

GenCore version 4.5
Copyright (c) 1993 - 2000 CompuGen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: February 23, 2001, 10:48:45 ; Search time 23.25 Seconds
(without alignments)
892.293 Million cell updates

Title: US-09-195-368-1
 Perfect score: 951
 Sequence: 1 MCLSHLNNPPLSHSRTGAG.....VLKNNTYGGIILLANPOFIS 177

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 374700 seqs, 117207915 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 374700

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length:	2000000000
Maximum DB seq length:	2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

POST PROCESSING: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

```
SPTREMBL_15:*
1: sp_archaea:*
2: sp_bacteria:*
3: sp_fungi:*
4: sp_human:*
5: sp_invertebrate:*
6: sp_mammal:*
7: sp_mhc:*
8: sp_organelle:*
9: sp_phage:*
10: sp_plant:*
11: sp_rodent:*
12: sp_virus:*
13: sp_vertebrate:*
14: sp_unclassified:*
```

pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Query		Length	DB	ID	Description
	Score	Match				
1	951	100.0	177	4	Q9UNG2	Q9UNG2 homo sapien
2	906	95.3	169	4	Q95852	Q95852 homo sapien
3	108.5	11.4	272	13	Q918D8	Q918D8 gallus gall
4	85.5	9.0	415	4	Q9UGY8	Q9UGY8 homo sapien
5	84	8.8	579	12	Q65605	Q65605 bovine immu
6	82	8.6	1188	5	Q96143	Q96143 plasmodium
7	79.5	8.4	665	5	Q17701	Q17701 caenorhabdi
8	79.5	8.4	851	10	Q9LFL1	Q9LFL1 arabidopsils
9	78	8.2	326	12	P89064	P89064 rotavirus
10	78	8.2	564	2	P75041	P75041 mycoplasma
11	77.5	8.1	352	5	Q9KM00	Q9KM00 vibrio chol
12	77.5	8.1	3614	5	Q9W4E2	Q9W4E2 drosophila
13	77	8.1	326	12	Q9QS10	Q9QS10 human rotav
14	77	8.1	433	3	Q26197	Q26197 plasmodium
15	77	8.1	748	3	Q9P3D8	Q9P3D8 neurospora
16	77	8.1	1424	5	Q9N3L5	Q9N3L5 caenorhabdi
17	76	8.0	326	12	Q98022	Q98022 human rotav
18	76	8.0	326	12	Q98025	Q98025 human rotav
19	76	8.0	326	12	Q91P76	Q91P76 human rotav

20	76	8.0	525	2	051223	051223 borrelia bu
21	76	8.0	606	12	P87521	P87521 bovine immu
22	75.5	7.9	222	10	Q40766	Q40766 picea abies
23	75.5	7.9	314	7	Q31417	Q31417 latimeria c
24	75.5	7.9	686	5	O19467	O19467 caenorhabdi
25	75	7.9	575	12	Q9YW23	Q9YW23 melanoplus
26	74.5	7.8	222	10	Q9ZTY6	Q9ZTY6 pinus resin
27	74.5	7.8	271	10	Q9ZT29	Q9ZT29 nicotiana t
28	74.5	7.8	465	3	Q9Y7F6	Q9Y7F6 schizosacch
29	74.5	7.8	471	2	Q06959	Q06959 vibrio chol
30	74.5	7.8	985	5	O01590	O01590 caenorhabdi
31	74	7.8	326	12	Q98032	Q98032 human rotav
32	74	7.8	326	12	Q91P71	Q91P71 human rotav
33	74	7.8	881	10	Q91J52	Q91J52 arabidopsis
34	74	7.8	1895	12	Q9QAY3	Q9QAY3 yaba monkey
35	73.5	7.7	218	10	Q9SAR6	Q9SAR6 picea maria
36	73.5	7.7	222	10	Q9ZRC6	Q9ZRC6 picea maria
37	73.5	7.7	222	10	Q9S7I9	Q9S7I9 picea maria
38	73.5	7.7	345	2	Q9ZKC1	Q9ZKC1 helicobacte
39	73.5	7.7	504	10	Q9MLN3	Q9MLN3 arabidopsis
40	73.5	7.7	550	3	Q9Y788	Q9Y788 cercospora
41	73	7.7	222	5	Q9V4C2	Q9V4C2 drosophila
42	73	7.7	326	12	Q98047	Q98047 human rotav
43	73	7.7	389	2	Q9X4V0	Q9X4V0 streptococc
44	73	7.7	494	12	Q86280	Q86280 rhesus rota
45	72.5	7.6	160	10	Q9LJ85	Q9LJ85 arabidopsis

ALIGNMENTS

RESULT 1

Q9UNG2	Q9UNG2	PRELIMINARY;	PRT;	177 AA.
ID	Q9UNG2			
AC	Q9UNG2;			
DT	01-MAY-2000	(TREMBLrel. 13, Created)		
DT	01-MAY-2000	(TREMBLrel. 13, Last sequence update)		
DT	01-MAY-2000	(TREMBLrel. 13, Last annotation update)		
DE	GLUCOCORTICOID-INDUCED TNFR-RELATED PROTEIN LIGAND.			
DE	TNFSF18.			
GN	Homo sapiens (Human).			
OS	Homo sapiens (Human).			
OC	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;			
OC	Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.			
OX	NCBI_Taxid=9606;			
RN	[1]			
RP	SEQUENCE FROM N.A.			
RC	TISSUE=UMBILICAL VEIN;			
RA	Gurney A.L., Marsters S.A., Huang A., Pitti R.M., Mark M.,			
RA	Baldwin D.T., Gray A.M., Dowd P., Brush J., Jeldens S., Schow P.,			
RA	Goddard A.D., Wood W.I., Baker K.P., Godowski P.J., Ashkenazi A.;			
RT	"Identification of a new member of the tumor necrosis factor family			
RL	and its receptor, a human ortholog of mouse GITR.";			
RL	Curr. Biol. 0:0-0(1999).			
SD	EMBL; AF125303; AAD22634.1;			
SD	SEQUENCE 177 AA; 20307 MW;			
SD	3D78CE6B90F4C9B3 CRC64;			

```
Query Match      100.0%; Score 951; DB 4; Length 177;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3.7e-84;
Matches 177; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
```

[illegible]


```

FT  NON_TER      1      1
FT  NON_SEQUENCE 579 579
SQ  SEQUENCE     579 AA; 64738 MW; 52EF25B35099A91D CRC64;

Query Match
Best Local Similarity 8.8%; Score 84; DB 12; Length 579;
Matches 47; Conservative 28; Mismatches 51; Indels 78; Gaps 11;

QY 20 QRSSKMLWLFCSIVMLLFCFSWLFIF-----FQLQ-ETAKEP--C 58
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 260 RELTHREWSVRIVLL-LISFSWGMWQORVEASQHVAMVISPFGFPPVNDTSKIPWYC 318
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 59 MAKFGPLPS-----KWMASSEPPCVKVSOW-----KLEILONGLYLYGQ 100
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 319 LSD-APIPTCSRPRWEQKYQKIEYEVVKNLSDWAEXHSRATWIEPDLLEEVVYL-- 374
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 101 VAPNANYNDVAFVRLVKNKMDIOTLTKSKIONGVGYELHYGDTIDLINSEHQVLK 160
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 375 -----ALLSANGSRQVTVTNGTDICNESDTPENQGTGOTMTLLH-----LK 414
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 161 N---NTY-----WGIFLL 170
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 415 NOISNTWILNTSLTCVQWPVLI 438
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

RESULT 6
O96143 ID O96143 PRELIMINARY; PRT; 1188 AA.
AC O96143;
DT 01-MAY-1999 (TremBLrel. 10, Created)
DT 01-MAY-1999 (TremBLrel. 10, Last sequence update)
DT 01-MAY-1999 (TremBLrel. 10, Last annotation update)
DE PROTEIN WITH 5'-3' EXONUCLEASE DOMAIN (KEM-1 FAMILY).
GN PF80205C.
OS Plasmodium falciparum.
OC Eukaryota; Alveolata; Apicomplexa; Haemosporida; Plasmodium.
OX NCBI_TaxID=5833;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RX MEDLINE=99021743; PubMed=9804551;
RA Gardner M.J., Tettelin H., Carucci D.J., Cummings L.M., Aravind L.,
RA Koonin E.V., Shallom S., Mason T., Yu K., Fujii C., Pederson J.,
RA Shen K., Jing J., Aston C., Lai Z., Schwartz D.C., Perle M.,
RA Salzberg S., Zhou L., Sutton G.G., Clayton R., White O., Smith H.O.,
RA Fraser C.M., Adams M.D., Venter J.C., Hoffman S.L.;
RT "Chromosome 2 sequence of the human malaria parasite Plasmodium
    falciparum.";
RL Science 282:1126-1132(1998).
DR EMBL: AE001380; AAC71830.1; -.
KW Exonuclease
SQ SEQUENCE 1188 AA; 142895 MW; BF767FC8532EBAC9 CRC64;

Query Match
Best Local Similarity 8.6%; Score 82; DB 5; Length 1188;
Matches 36; Conservative 11; Mismatches 36; Indels 40; Gaps 9;

QY 41 FSWLIFLQLETAKEPCMAKFG-PLPSKWMASSEPPCV-----NKVSDW----KLEIL 90
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 7 YMWLVFLFFLE-----LAKCGIPGLHKW-VINFPSCVKIVDRNKLIDWNCIGLEKA 59
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 91 Q-----NGLYLYGOVAPNANYNDVAFVRLVKNKMDIOTLTKSKION 135
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 60 GKHKRNRHNGDNGNDNGNDNDDNYDDNNYNGGCEIN-RN1KNKD--NTYDN-----N 111
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 136 VGGTY 140
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 112 INNTY 116
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

RESULT 7
Q17701 ID Q17701 PRELIMINARY; PRT; 665 AA.
AC Q17701;
DT 01-NOV-1996 (TremBLrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (TremBLrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JAN-1999 (TremBLrel. 09, Last annotation update)
DE C06B3.2 PROTEIN.
GN C06B3.2.
OS Caenorhabditis elegans.
OC Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Rhabditida; Rhabditoidea;
OC Rhabditidae; Pelodirinae; Caenorhabditis.
OX NCBI_TaxID=6239;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Percy C.;
RL Submitted (JUL-1996) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
RN [2]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RX MEDLINE=94150718; PubMed=7906398;
RA Wilson R., Ainscough R., Anderson K., Baynes C., Berks M.,
RA Bonfield J., Burton J., Connell M., Copsey T., Cooper J., Coulson A.,
RA Craxton M., Dear S., Du Z., Durbin R., Favell A., Fulton L.,
RA Gardner A., Green P., Hawkins T., Hillier L., Jier M., Johnston L.,
RA Jones M., Kersey J., Kirshen J., Laister N., Latreille P.,
RA Lightning J., Lloyd C., McMurray A., Mortimore B., O'Callaghan M.,
RA Parsons J., Percy C., Rifkin L., Ropra A., Saunders D., Showkeen R.,
RA Smalton N., Smith A., Sonhammer E., Staden R., Sulston J.,
RA Thierry-Mieg J., Thomas K., Vaudin M., Vaughan K., Waterston R.,
RA Watson A., Weinstock L., Wilkinson-Sproat J., Wohlman P.;
RT "2.2 Mb of contiguous nucleotide sequence from chromosome III of C.
    elegans.";
RL Nature 368:32-38(1994).
DR EMBL: 277652; CAB01113.1; -.
SQ SEQUENCE 665 AA; 75422 MW; 62E7D5F14FB083F CRC64;

Query Match
Best Local Similarity 8.4%; Score 79.5; DB 5; Length 665;
Matches 44; Conservative 24; Mismatches 61; Indels 79; Gaps 9;

QY 27 WLFCSIVMLLFCFSWLFIFLQLETAKEPCMAKFGPLPSKWMASSEPPCVKVSOW- 85
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 7 FLFC-----LKFVCSHSGLYFGKIES-----PEPFSSFINYSHVTPECTDKMTWI 55
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 86 -----KLEILONGLYLI--YGQVA--PNANYNDVAFVRLYK 119
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 56 SSIEQETAASSDCLFPKNCNTASILNLKNIYAIQYDAFAKIPSGALLLEVSLVDFGSYQ 115
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 120 NKDMIOTL---TN-----KSKIONGVGYELH-----VGDTIDL- 150
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 116 ECHRISGVRYETNYCYVLLVPGRNANCSGSIQAGTSVAFRRVAVCMKSCASSDVTDL 175
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 151 -----IFNSEHOVLKNNTYWG 166
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 176 NQLSALPLTACATFCSQRDVPKDSAFWG 203
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

RESULT 8
Q9LFL1 ID Q9LFL1 PRELIMINARY; PRT; 851 AA.
AC Q9LFL1;
DT 01-OCT-2000 (TremBLrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (TremBLrel. 15, Last sequence update)
DT 01-OCT-2000 (TremBLrel. 15, Last annotation update)
DE RECEPTOR PROTEIN KINASE-LIKE PROTEIN.
GN P2K13.50.
OS Arabidopsis thaliana (Mouse-ear cress).
OC Eukaryota; Viridiplantae; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta;
OC Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; Rosidae; eurosids II;
OC Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
OX NCBI_TaxID=3702;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Sato S., Nakamura Y., Kaneko T., Kato T., Asamizu E., Kotani H.,

```

1

DR TIGR: VCA0589; -
SQ SEQUENCE 352 AA; 39588 MW; CA9A777BE480D3B9 CRC64;

Query Match
Best Local Similarity 8.1%; Score 77.5; DB 2; Length 352;
Matches 31; Conservative 19; Mismatches 35; Indels 33; Gaps 8;
QY 10 PLISH---SRTGAORSSWKLWLFCSIVMLFLCFSWLFIFLOLETAKEPCMAKFGPLP 66
Db 14 PLTEARWARFKANRRGFWLWIF-----LLLFWS-----LFAELIANDKPLLIQY---D 60
QY 67 SKWQMASSEPPCVNKKVSDWKLLEILONGLYLYGVQVAPNANYNDVAPFVRLYKNDMI 124
Db 61 GAWYM-----PIVQRYSE-----TQFG-----GFDTEADYTD--PYVVSLEIEKGQI 101

RESULT 12
Q9W4E2 PRELIMINARY; PRT; 3614 AA.
ID Q9W4E2;
AC Q9W4E2;
DT 01-MAY-2000 (TREMBLrel. 13, Created)
DT 01-MAY-2000 (TREMBLrel. 13, Last sequence update)
DT 01-OCT-2000 (TREMBLrel. 15, Last annotation update)
DE AKAP550 PROTEIN.
GN AKAP550.
OS Drosophila melanogaster (fruit fly).
OC Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Tracheata; Hexapoda; Insecta;
OC Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
OC Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
OX NCBI_TaxID=7227;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BERKELEY;
RX MEDLINE=20196006; PubMed=10731132;
RA Adams M.D., Celniker S.E., Holt R.A., Evans C.A., Gocayne J.D.,
RA Amanatides P.G., Scherer S.E., Li P.W., Hoskins R.A., Galie R.F.,
RA George R.A., Lewis S.E., Richards S., Ashburner M., Henderson S.N.,
RA Sutton G.G., Wortman J.R., Yandell M.D., Zhang Q., Chen L.X.,
RA Brandon R.C., Rogers Y.-H.C., Blazej R.G., Champe M., Pfeiffer B.D.,
RA Abril J.M., Doyle C., Baxter E.G., Helt G., Nelson C.R., Miklos G.L.G.,
RA Balieu R.F., Agbayani A., An H.-J., Andrews-Pfannkuch C., Baldwin D.,
RA Beeson K.Y., Benos P.V., Berman B.P., Bayraktaroglu L., Beasley E.M.,
RA Borkova D., Botchan M.N., Bouck J., Brokstein P., Brothier P.,
RA Burtis K.C., Busam D.A., Butler H., Cadieu E., Center A., Chandra I.,
RA Cherry J.M., Cawley S., Dahlke C., Davenport L.B., Davies P.,
RA de Pablos B., Delcher A., Deng Z., Mays A.D., Dew I., Dietz S.M.,
RA Dodson K., Doup L.E., Downes M., Dugan-Rocha S., Dunkov B.C., Dunn P.,
RA Durbin K.J., Evangelista C.C., Ferraz C., Ferreira S., Fleischmann W.,
RA Fostler C., Gabriellian A.E., Garg N.S., Gelbart W.M., Glasser K.,
RA Glodek A., Gong F., Gorrell J.H., Gu Z., Guan P., Harris M.,
RA Harris N.L., Harvey D., Heiman T.J., Hernandez J.K., Houck J.,
RA Hostin D., Houston K.A., Howland T.J., Wei M.-H., Ibegwam C.,
RA Jalali M., Kalush F., Karpen G.H., Ke Z., Kennison J.A., Ketchum K.A.,
RA Kimmel B.E., Kodira C.D., Kraft C., Kravitz S., Kulp D., Lai Z.,
RA Lasko P., Lei Y., Levitsky A.A., Li J., Li Z., Liang Y., Lin X.,
RA Liu X., Mattel B., McIntosh T.C., McLeod M.P., McPherson D.,
RA Merkulov G., Milshina N.V., Mobarry C., Morris J., Moshrefi A.,
RA Mount S.M., Moy M., Murphy B., Murphy L., Muzny D.M., Nelson D.L.,
RA Nelson D.R., Nelson K.A., Nixon K., Nusskern D.R., Pauley J.M.,
RA Palazzolo M., Pittman G.S., Pan S., Pollard J., Puri V., Reese M.G.,
RA Reinert K., Remington K., Saunders R.D.C., Scheeler F., Shen H.,
RA Shue B.C., Siden-Kiamos I., Simpson M., Skupski M.P., Smith T.,
RA Spier E., Spradling A.C., Stapleton M., Strong R., Sun E.,
RA Swirskas R., Tector C., Turner R., Venter E., Wang A.H., Wang X.,
RA Wang Z.-Y., Wasserman D.A., Weinstein G.M., Weissenbach J.,
RA Williams S.M., Woodage T., Worley K.C., Wu D., Yang S., Yao Q.A.,
RA Ye J., Yeh R.-F., Zaveri J.S., Zhan M., Zhang G., Zhao Q., Zheng L.,
RA Zheng X.-H., Zhong F.N., Zhong W., Zhou X., Zhu S., Zhu H.O.,
RA Gibbs R.A., Myers E.W., Rubin G.M., Venter J.C.;
RT "The genome sequence of Drosophila melanogaster";
RL Science 287:2185-2195(2000).

DR EMBL: AE003433; AAF46011.1; -
DR FLYBASE; FBgn0021748; Akap550.
DR INTERPRO: IPR000104; -
DR INTERPRO: IPR000179; -
DR INTERPRO: IPR000409; -
DR INTERPRO: IPR001680; -
DR PFAM: PF00400; WD40; 3.
DR PFAM: PF02138; Beach; 1.
DR PRINTS; PR00308; ANTIFREZEEL.
DR PROSITE; PS00193; CYTOCHROME_B_OO; UNKNOWN_1.
SQ SEQUENCE 3614 AA; 400162 MW; 621563EF59703177 CRC64;

Query Match 8.1%; Score 77.5; DB 5; Length 3614;
Best Local Similarity 21.7%; Pred. No. 1.9e+02;
Matches 33; Conservative 26; Mismatches 62; Indels 31; Gaps 5;

QY 27 WLFCSIVMLFLCFSWLFIFLOLETAKEPCMA-----KFGPLPSKWQMASSEPPC 78
Db 2887 YLLQNVALEIFLASRTSILFAFPDQHTVKKVIALPRVGVGIKYG-IPQTRRASMSPRQ 2945
QY 79 V-----NKVSDWKLLEILONGLYLYGVQVAPNANYND-----VAPFVRLYKNDMIQTL-- 127
Db 2946 LMRNSNMOTKQWRREISNFELMFLNTIAGRTYNDLNLQYPIFPWLTNYESKDLDSLPS 3005
QY 128 -----TNKSKIQNVGGTYELHVGDTI 148
Db 3006 NYRDLSPKIPALNPSSRAYFEERYESWDSDTI 3037

RESULT 13
Q9QS10 PRELIMINARY; PRT; 326 AA.
ID Q9QS10;
AC Q9QS10;
DT 01-MAY-2000 (TREMBLrel. 13, Created)
DT 01-MAY-2000 (TREMBLrel. 13, Last sequence update)
DT 01-OCT-2000 (TREMBLrel. 15, Last annotation update)
DE VP7 PROTEIN.
GN VP7.
OS Human rotavirus serotype G2.
OC Viruses; dsRNA viruses; Reoviridae; Rotavirus.
OX NCBI_TaxID=73034;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=TA3;
RX MEDLINE=99301494; PubMed=10374958;
RA Zao C.L., Yu W.N., Kao C.L., Taniguchi K., Lee C.Y., Lee C.N.;
RT "Sequence analysis of VP1 and VP7 genes suggests occurrence of a
RT reassortant of G2 rotavirus responsible for an epidemic of
RT gastroenteritis";
RL J. Gen. Virol. 80:0-0(0).
DR EMBL: AF106280; AAD47299.1; -
DR INTERPRO: IPR001963; -
DR PFAM: PF00434; VP7; 1.
SQ SEQUENCE 326 AA; 37174 MW; 4782203A59C6A8A5 CRC64;

Query Match 8.1%; Score 77; DB 12; Length 326;
Best Local Similarity 22.8%; Pred. No. 12;
Matches 42; Conservative 29; Mismatches 59; Indels 54; Gaps 9;

QY 26 LMLFCSIVMLFLC-----SFSWLIFLQLETAKEPCMAK-----FGPLPSKWQM 71
Db 10 LTLTISILNLVILKITMTMDYIIFRLLTALISPFVPTONYGMYLPITGSLDAVTN 69
QY 72 ASSEPP-----CV-----NKVSDWKLLEILONGLYLYGVQVAPN-----NYNDVAPFEV 115
Db 70 STSGEFLTSTLCIYPAAEKNEISDDEMENTLSQLTGKWPISGVFKDYNDINTSV 129
QY 116 --RLYKNKMDIOTLTNKSQIONVGTYELHVGDTITDLFNSEHQLVKNNTYWGILLANP 173
Db 130 NPQLCYDYNV-----LMRYDNTSELDASELADILNE-----W-----LCNP 167

Qy 174 QFIS 177
Db 168 MDIS 171

RESULT 14

ID Q26197 PRELIMINARY; PRT; 433 AA.
AC Q26197;
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (Tremblrel. 01, Last sequence update)
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Last annotation update)
DE SERA-1 (FRAGMENT);
OS Plasmodium vinckeii.
OC Eukaryota; Alveolata; Apicomplexa; Haemosporidia; Plasmodium.
OX NCBI_TaxID=5860;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Rosenthal P.J., Gor D.O., Li A.C.;
RL Submitted (JUN-1996) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL: U59860; AAC61622.1; -;
DR MEROPS: C01.077; -;
DR INTERPRO: IPR000668; -;
DR PRINTS: PR00705; PAPAIN.
FT NON_TER 1
SQ SEQUENCE 433 AA; 50159 MW; 743287DBB22B3279 CRC64;

Query Match 8.1%; Score 77; DB 5; Length 433;

Best Local Similarity 21.3%; Pred. No. 17; Mismatches 59; Indels 76; Gaps 10;

Matches 42; Conservative 20; Mismatches 59; Indels 76; Gaps 10;

Qy 39 CSFSLIFIFLQLETAKEPCMAKEG-----
Db 30 CSLWLFASKLHLETR--CMRGEHNRGSALYVANCERTADNVDVGSNPIEFKILE 87
Qy 64 -----PL-----PSKQMASSEPPCVNKVSDW-----KLEILQGLYLIY-----GOVAPNA 105
Db 88 KMKLPLESNFPYVKNVSD--TCPKPNANNWTNIGNTKLLNNMYGEFTQHRGFIAYS 145
Qy 106 NY-----NDVAPFEVR-----LYKNDMIQTITNKSQIONGVGTVELHVGDITL 150
Db 146 RYFAKNMDFIDIVKREIRNKGSIYAIKTRDVIYDFNGRYISNICG--HSHDPHAVNI 203
Qy 151 IFNSEHQVLK--NNTYW 165
Db 204 IGYGNYISDKGEKRTYW 220

RESULT 15

ID Q9P3D8 PRELIMINARY; PRT; 748 AA.
AC Q9P3D8;
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Created)
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Last sequence update)
DT 01-OCT-2000 (Tremblrel. 15, Last annotation update)
DE PROBABLE DOLICHYL-PHOSPHATE-MANNOSE--PROTEIN MANNOsylTRANSFERASE.
GN B13118.50.
OS Neurospora crassa.
OC Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Sordariales; Sordariaceae; Neurospora.
OX NCBI_TaxID=5141;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Schulte U., Aign V., Hoheisel J., Brandt P., Fartmann B., Holland R.,
RA Nyakatura G., Mewes H.W., Mannhaupt G.;
RL Submitted (JUL-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
RN [2]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA German Neurospora genome project;
RL Submitted (JUL-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL: AL390189; CAB99175.1; -;
SQ SEQUENCE 748 AA; 85290 MW; A91DB796F41CB9C9 CRC64;

Query Match 8.1%; Score 77; DB 3; Length 748;
Best Local Similarity 21.2%; Pred. No. 33;
Matches 38; Conservative 25; Mismatches 66; Indels 50; Gaps 8;

Qy 13 HSRTQGAQRSSHWKWLFCISIVMLLELCFSFSL-IFIFLQLETAKEPCMAKEGPLPSKWQM 71
Db 222 HNLRRKSTPEWAFWLELTGLSIGFVCSVKVVGLEF-----TALVGLYTIEDLW-- 270
Qy 72 ASSEPPCVNKNVSDWKLEILQNGLYLIYGOVAPNANYNDVAPFEVRLYKKNKDMIOITLTK- 130
Db 271 -----NKFGDTKMPV-----KVLAAHVAARVSVCLILPFAVYLLSFAIHFVWLTNSG 317
Qy 131 -----SKIQ-NVGGT-----YELHVGDITIDIFNSEHQVLKNNNTYWGILLLANPQ 174
Db 318 PGDAQMPSLFQANLRGTEVGRDPSLELATGSRV-----TIKNMGYGGGLLHSHVQ 367

Search completed: February 23, 2001, 10:49:18
Job time: 33 sec